

Figure 1A

Identity to SeqID No:1 is indicated by a dot, and a dash (“-“) indicates a missing nucleotide.

*	20	*	40	*
Seqid1 :	ATGAGATCTTCTTCGGTTGAAGCCGATTGTTTATCTTATGGGTGT	:	50	
Seqid3 :	:	50	
Seqid5 :C.....	:	50	

60	*	80	*	100
Seqid1 :	TATGCTATATCATCATAGTTATGCCGAAGATGCAGGGCGCGCGGGCAGCG	:	100	
Seqid3 :	:	100	
Seqid5 :	..C.....T.....	:	100	

*	120	*	140	*
Seqid1 :	AGGCGCAGATAACAGGTTTGGAAAGATGTGCACGTCAAGGCGAACGCGTA	:	150	
Seqid3 :	:	150	
Seqid5 :	:	150	

160	*	180	*	200
Seqid1 :	CCGAAAGACAAAAAGTGTACCGATGCGCGTGCGTATCGACCGTCA	:	200	
Seqid3 :	:	200	
Seqid5 :	:	200	

*	220	*	240	*
Seqid1 :	GGATATATTCAAATCCAGCGAAAACCTCGACAACATCGTACGCAGCATCC	:	250	
Seqid3 :	:	250	
Seqid5 :	:	250	

260	*	280	*	300
Seqid1 :	CCGGTGCCTTACACAGCAAGATAAAAGCTCGGGCATGTGTCTTGAAT	:	300	
Seqid3 :	:	300	
Seqid5 :	:	300	

Figure 1B

* 320 * 340 *	
Seqid1 : ATT CGC GGC GAC AGC GGG TT C GGG C GGG T CA AT AC GAT GGT GG AC GGG CAT	: 350
Seqid3 :	: 350
Seqid5 :	: 350
* 360 * 380 * 400	
Seqid1 : CAC GCAG ACCT TT ATT CGACT TCT ACCGAT GC GGG CAG GGC AGG C GGT T	: 400
Seqid3 :	: 400
Seqid5 :	: 400
* 420 * 440 *	
Seqid1 : CAT CTCA ATT CGGT GCAT CT GT CGAC AGCA ATT TT ATT GCGG ACT GGAT	: 450
Seqid3 :	: 450
Seqid5 :	: 450
460 * 480 * 500	
Seqid1 : GTC GTCAA AGGC AGCT TCAG CGG CT CGG CAGG CAT CAAC AGC CCT TGCC GG	: 500
Seqid3 :	: 500
Seqid5 :	: 500
* 520 * 540 *	
Seqid1 : TTC CGG CGA ATCT GCGG ACT TT TAGG CGT GGAT GAC GT CGTT CAGGG CAATA	: 550
Seqid3 :	: 550
Seqid5 :	: 550
560 * 580 * 600	
Seqid1 : ATAC CTAC GGG CTG CTG CT AAA AGGT CTG ACC GGC ACCA ATT CA ACC AAA	: 600
Seqid3 :	: 600
Seqid5 :	: 600
* 620 * 640 *	
Seqid1 : GGTA ATGCG ATGG CGGC GATAG GTGCG CGCAA ATGG CTGG AAAG CGG GAGC	: 650

Figure 1C

Seqid3 : : 650
Seqid5 : : 650

660 * 680 * 700
Seqid1 : ATCTGTCGGTGTGCTTACGGGCACAGCAGGCGCACGTGGCGCAAATT : 700
Seqid3 : GCGT..... : 700
Seqid5 : GCGT..... : 700

* 720 * 740 *
Seqid1 : ACCCGGTGGCGGCCGGCAGCACATCGAAATTGGCGCGGAATAT : 750
Seqid3 : : 750
Seqid5 : : 750

760 * 780 * 800
Seqid1 : CTGGAACGGCGAACAGCGATATTTGTACAAGAAGGCAGGTTGAAATT : 800
Seqid3 : G..... : 800
Seqid5 : T..... G..... G..T.CT..... : 800

* 820 * 840 *
Seqid1 : CAATTCCAACAGCGAAAATGGGAGCGGGATTCAAAGGCCGTACTGGA : 850
Seqid3 : : 850
Seqid5 : G..... A..... AAC.G... : 850

860 * 880 * 900
Seqid1 : AAACCAAGTGGTATCAAAATACAATGACCCCCAAGAACTGCAAAATAC : 900
Seqid3 : : 900
Seqid5 : ..TA...CC...A...T...CA...---...A..... : 897

* 920 * 940 *
Seqid1 : ATCGAAGGTATGACAAAGCTGGCGGGAAAACCTGGCGCGCAATACGA : 950
Seqid3 : : 950
Seqid5 : : 947

Figure 1D

960	*	980	*	1000	
Seqid1 :	CATCACCCCCATCGATCCGTCCAGCCTGAAGCAGCAGTCGGCAGGCAATC	:	1000		
Seqid3 :	:	1000
Seqid5 :	:	997

*	1020	*	1040	*	
Seqid1 :	TGTTTAAATTGGAATACGACGGCGTATTCAATAAATACACGGCGCAATT	:	1050		
Seqid3 :	:	1050
Seqid5 :	:	1047

1060	*	1080	*	1100	
Seqid1 :	CGCGATTAAACACCAAAATCGGCAGCCGCAAAATCATCAACCGCAATT	:	1100		
Seqid3 :	:	1100
Seqid5 :	:	1097

*	1120	*	1140	*	
Seqid1 :	TCAATTCAATTACGGTTATCTTAAACTCATATGCCAACCTCAATCTGA	:	1150		
Seqid3 :	:	1150
Seqid5 :	...G.....G....G...C.G...A...		:	1147

1160	*	1180	*	1200	
Seqid1 :	CCGCAGCCTACAATTGGGCAGGCAGAAATATCGAAAGGGTCGAAGTT	:	1200		
Seqid3 :	:	1200
Seqid5 :	:	1197

*	1220	*	1240	*	
Seqid1 :	ACAGGGCTGGGGCTTTAAAAGATTTGAAACCTACAACACCGCGAAAT	:	1250		
Seqid3 :	:	1250
Seqid5 :G.....		:	1247

1260	*	1280	*	1300	
Seqid1 :	CCTCGACCTAACAAACACCGCCACCTTCCGGCTGCCCGCGAAACCGAGT	:	1300		
Seqid3 :	:	1300
Seqid5 :	:	1297

Figure 1E

*	1320	*	1340	*
Seqid1 :	TGCAAACCAC	TTGGGCTTCAATT	ACGGAAAAAC	: 1350
Seqid3 :	: 1350
Seqid5 :	: 1347

1360	*	1380	*	1400
Seqid1 :	CGCTTCCTGAAGAATT	GGGCTGTTTCGACGGTCCGGATCAGGACAA	: 1400	
Seqid3 :	: 1400
Seqid5 :	T.....	: 1397

*	1420	*	1440	*
Seqid1 :	CGGGCTTTATT	CCTATTGGGGCGGTTAAGGGCGATAAAGGGCTGCTGC	: 1450	
Seqid3 :	: 1450
Seqid5 :	: 1447

1460	*	1480	*	1500
Seqid1 :	CCCAAAAATCAACC	ATCGTCCAACCGGCCAGCCAATATTCAACACG	: 1500	
Seqid3 :	: 1500
Seqid5 :	T.....	: 1497

*	1520	*	1540	*
Seqid1 :	TTCTACTTCGATGCC	GCGCTCAAAAAGACATTACCGCTAAACTACAG	: 1550	
Seqid3 :	: 1550
Seqid5 :	: 1547

1560	*	1580	*	1600
Seqid1 :	CACCAATACCGTCGGCTACCGTT	CGCGGAATATACGGCTATTACG	: 1600	
Seqid3 :	: 1600
Seqid5 :	: 1597

*	1620	*	1640	*
Seqid1 :	GCTCGGATGACGAATT	AAGCGGGCATTCGGAGAAACTCGCCGACATAC	: 1650	

Figure 1F

Seqid3 : : 1650
Seqid5 : : 1647

1660 * 1680 * 1700
Seqid1 : AAGAACATTGCAACCAGAGCTGCGGAATTTATGAACCCGTATTGAAAAA : 1700
Seqid3 : : 1700
Seqid5 : G G : 1697

* 1720 * 1740 *
Seqid1 : ATACGGCAAAAGCGCGCCAACAACCATTGGTCAGCATTAGTGCGGACT : 1750
Seqid3 : : 1750
Seqid5 : : 1747

1760 * 1780 * 1800
Seqid1 : TCGGCGATTATTCATGCCGTTGCCAGCTATTGCGCACACACCGTATG : 1800
Seqid3 : : 1800
Seqid5 : : 1797

* 1820 * 1840 *
Seqid1 : CCCAACATCCAAGAAATGTATTTCCCAAATGGCGACTCCGGCGTTCA : 1850
Seqid3 : : 1850
Seqid5 : : 1847

1860 * 1880 * 1900
Seqid1 : CACCGCCTAAAACCAGAGCGCGCAAACACTGGCAATTGGCTTCAATA : 1900
Seqid3 : : 1900
Seqid5 : : 1897

* 1920 * 1940 *
Seqid1 : CCTATAAAAAGGATTGTTAAAACAAGATGATACATTAGGATTAACCTG : 1950
Seqid3 : : 1950
Seqid5 : : 1947

Figure 1G

	1960	*	1980	*	2000	
Seqid1 :	GTCGGCTACCGCAGCCGCATCGACAACACTACATCCACAAACGTTACGGGAA					: 2000
Seqid3 :					: 2000
Seqid5 :					: 1997

	*	2020	*	2040	*	
Seqid1 :	ATGGTGGGATTGAACGGGAATATTCCGAGCTGGGTCA					CAGCACCGGGC : 2050
Seqid3 :					: 2050
Seqid5 : G					: 2047

	2060	*	2080	*	2100		
Seqid1 :	TTGCCTACACCATCCAACACCGCAATTCAAAGACAAAGTACACAAACAC					: 2100	
Seqid3 :					: 2100	
Seqid5 : T					G	: 2097

	*	2120	*	2140	*		
Seqid1 :	GGTTTGAGTTGGAGCTGAATTACGATTATGGCGTTTTACCAACCT					: 2150	
Seqid3 :					: 2150	
Seqid5 :					T	: 2147

	2160	*	2180	*	2200		
Seqid1 :	TTCTTACGCCATCAAAAAAGCACGCAACCGACCAACTTCAGCGATGCGA					: 2200	
Seqid3 :					: 2200	
Seqid5 :					T	: 2197

	*	2220	*	2240	*		
Seqid1 :	GCGAATGCCAACATGCGTCAAAGAAGACCAACTCAAACAAGGTTAT					: 2250	
Seqid3 :					: 2250	
Seqid5 :					T	: 2247

	2260	*	2280	*	2300	
Seqid1 :	GGGTTGAGCAGGGTTCCGCCCTGCCGCGAGATTACGGACGTTGGAAGT					: 2300
Seqid3 :					: 2300

Figure 1H

Seqid5 : : 2297

* 2320 * 2340 *
Seqid1 : CGGTACGCGCTGGTTGGCAACAAACTGACTTTGGCGCGCGATGCGCT : 2350
Seqid3 : : 2350
Seqid5 : : 2347

2360 * 2380 * 2400
Seqid1 : ATTCGGCAAGAGCATCCGCGCAGGGCTGAAGAACGCTATATCGACGGC : 2400
Seqid3 : : 2400
Seqid5 : : 2397

* 2420 * 2440 *
Seqid1 : ACCAACGGGGAAATACCAGCAAATGCCGGCAACTGGCAAGCGTTCCAT : 2450
Seqid3 : : 2450
Seqid5 : T : 2447

2460 * 2480 * 2500
Seqid1 : CAAACAAACCGAAACCCCTGCCGCCAGCCTTGATTTGATTTTACG : 2500
Seqid3 : : 2500
Seqid5 : T : 2497

* 2520 * 2540 *
Seqid1 : CCGCTTACGAGCCGAAGAAAAACCTTATTTCCGCGCCGAAGTCAAAAAT : 2550
Seqid3 : : 2550
Seqid5 : : 2547

2560 * 2580 * 2600
Seqid1 : CTGTCGACAGGCCTTATATCGATCCGCTCGATGCGGGCAATGATGCGGC : 2600
Seqid3 : : 2600
Seqid5 : : 2597

Figure 1I

* 2620 * 2640 *

Seqid1 : AACGCAGCGTTATTACAGTCGTTGACCCGAAAGACAAGGACGAAGAAG : 2650
Seqid3 : : 2650
Seqid5 :C.....C. : 2647

2660 * 2680 * 2700

Seqid1 : TAACGTGTAATGCTGATAAAACGTTGTGCAACGGCAAATACGGCGGCACA : 2700
Seqid3 : : 2700
Seqid5 : : 2697

* 2720 * 2740 *

Seqid1 : AGCAAAAGCGTATTGACCAATTTGCACGCGGACGCACCTTTTGATAAC : 2750
Seqid3 : : 2750
Seqid5 : : 2747

2760

Seqid1 : GATGAGCTACAAGTTTAA : 2769
Seqid3 : : 2769
Seqid5 : : 2766

Figure 2A

Identity to SeqID No:2 is indicated by a dot, and a dash ("—") indicates a missing amino acid.

* 20 * 40 *

Seqid2 : MRSSFRLKPICFYLMGVMLYHHSYAEDAGRAGSEAQIQVLEDHVVKAKRV : 50
Seqid4 : : 50
Seqid6 :T..Y..... : 50

60 * 80 * 100

Seqid2 : PKDKKVFTDARAVSTRQDIFKSSENLDNIVRSIPGAFTQQDKSSGIVSLN : 100
Seqid4 : : 100
Seqid6 : : 100

* 120 * 140 *

Seqid2 : IRGDSGFGRVNTMVDGITQTFYSTSTDAGRAGGSSQFGASVDSNFIAGLD : 150
Seqid4 : : 150
Seqid6 : : 150

160 * 180 * 200

Seqid2 : VVKGSFSGSAGINSLAGSANLRTLGVDDVVQGNNTYGLLKGLTGTNSTK : 200
Seqid4 : : 200
Seqid6 : : 200

* 220 * 240 *

Seqid2 : GNAMAAIGARKWLESGASVGVLGHSSRTWAQNYRVGGGGQHIGNFGAEY : 250
Seqid4 :SV..... : 250
Seqid6 :SV..... : 250

Figure 2B

260 * 280 * 300
Seqid2 : LERRKQRYFVQEGGLKFNSNSGKWERDFQRPYWTKWYQKYNDPQELQKY : 300
Seqid4 : : 300
Seqid6 :A....D.....L..QQ..Y.P.KN..N..... : 299

* 320 * 340 *
Seqid2 : IEGHDKSRENLAQYDITPIDPSSLKQQSAGNLFKLEYDGVFNKYTAQF : 350
Seqid4 : : 350
Seqid6 : : 349

360 * 380 * 400
Seqid2 : RDLNTKIGSRKIINRNYQFNYGLSLNSYANLNLTAAAYNSGRQKYPKGSKF : 400
Seqid4 : : 400
Seqid6 :P.T..... : 399

* 420 * 440 *
Seqid2 : TGWGLLKDFETYNNAKILDLNNTATFRLPRETELQTTLGFNYFHNEYGKN : 450
Seqid4 : : 450
Seqid6 : : 449

460 * 480 * 500
Seqid2 : RFPEELGLFFDGPDQDNGLYSYLGFRFKGDKGLLPQKSTIVQPAGSQYFNT : 500
Seqid4 : : 500
Seqid6 : : 499

* 520 * 540 *
Seqid2 : FYFDAALKDIYRLNYSTNTVGYRGGEYTGYYGSDDEFKRAFGENSPTY : 550
Seqid4 : : 550
Seqid6 : : 549

Figure 2C

560 * 580 * 600
Seqid2 : KKHCNQSCGIYEPVLKKYGRANNHHSVSIADFGDYFMPFASYSRTHRM : 600
Seqid4 : : 600
Seqid6 :R..... : 599

* 620 * 640 *
Seqid2 : PNIQEMYFSQIGDSGVHTALKPERANTWQFGFNTYKKGLLKQDDTLGLKL : 650
Seqid4 : : 650
Seqid6 : : 649

660 * 680 * 700
Seqid2 : VGYRSRIDNYIHNVYGRKWWDLNGNIPSWVSSTGLAYTIQHRNFDKVHKH : 700
Seqid4 : : 700
Seqid6 :D..... : 699

* 720 * 740 *
Seqid2 : GFEELNYDYGRFFTNLSYAYQKSTQPTNFSDASESPNNASKEDQLKQGY : 750
Seqid4 : : 750
Seqid6 : : 749

760 * 780 * 800
Seqid2 : GLSRVSALPRDYGRLEVGRWLGNKLTLGGAMRYFGKSIRATAEERYIDG : 800
Seqid4 : : 800
Seqid6 : : 799

* 820 * 840 *
Seqid2 : TNGGNTSNVRQLGKRSIKQTETLARQPLIFDFYAAYPEKKNLIFRAEVKN : 850
Seqid4 : : 850
Seqid6 :F..... : 849

Figure 2D

860	*	880	*	900
Seqid2 :	LFDERRYIDPLDAAGNDAATQRYYSSFDPKDKDEEVTCNADKTL	CNGKYGGT	:	900
Seqid4 :	:	900
Seqid6 :	D.....	:	899

*	920		
Seqid2 :	SKSVLTNFARGRTFLITMSYKF	:	922
Seqid4 :	:	922
Seqid6 :	:	921

Figure 3

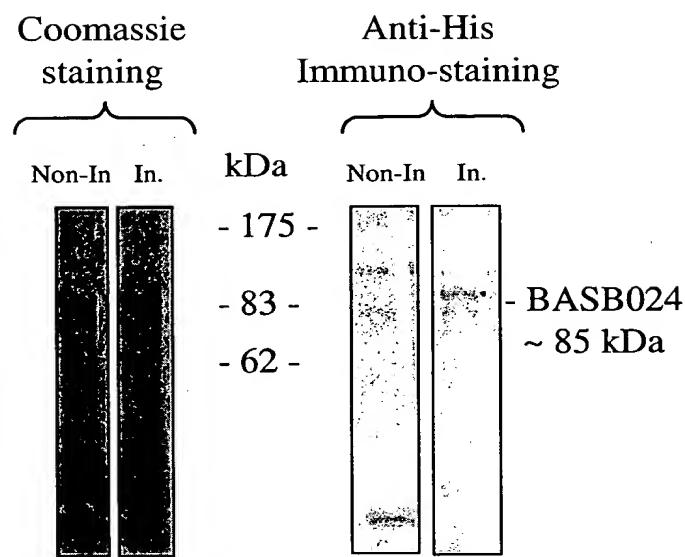
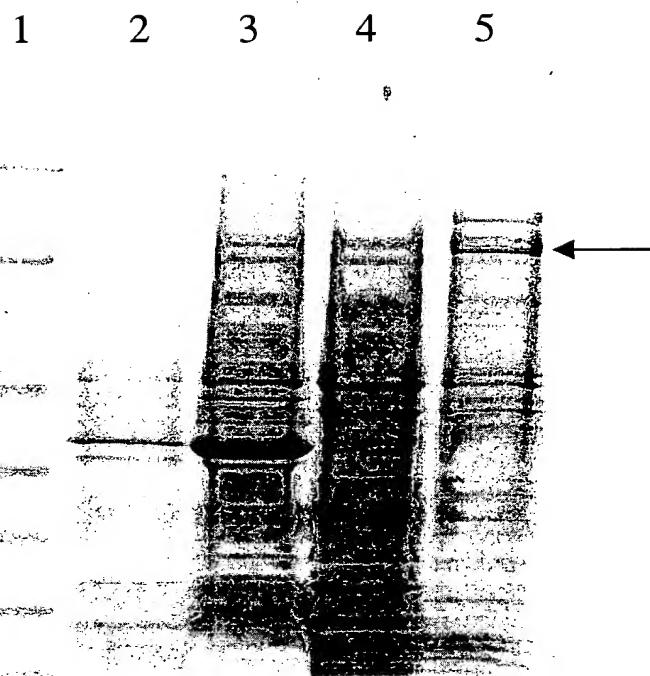
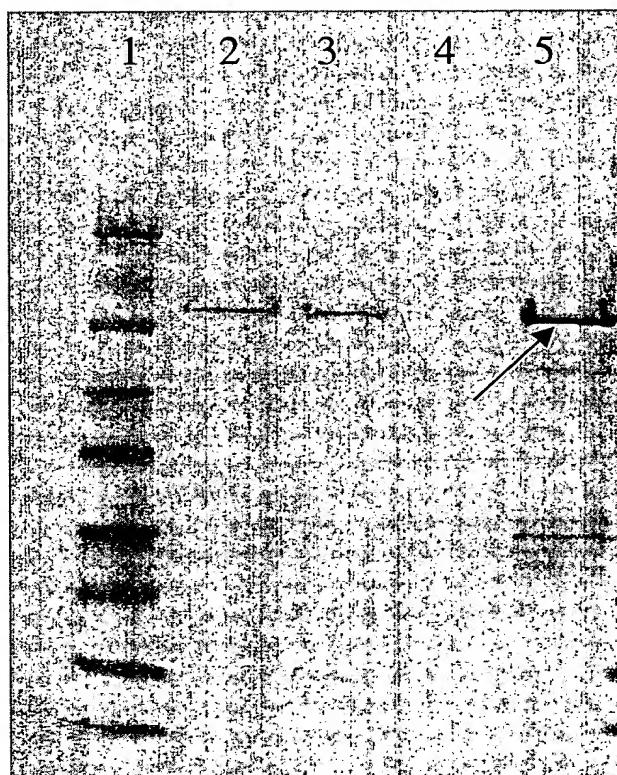


Figure 4



Lanes : 1 : MW : 175, 83, 62, 47.5, 32.5, 25, 16.5, 6.5
 2 : Start
 3 : Flowthrough
 4 : 5 mM imidazole pool
 5 : BASB024 enriched pool

Figure 5



Lanes : 1 : MW : 175, 83, 62, 47.5, 32.5, 25, 16.5, 6.5
 2 : Start
 3 : Flowthrough
 4 : 5 mM imidazole pool
 5 : BASB024 enriched pool

Figure 6

Convalescent sera

